

Streptococcus pneumoniae PBP 2x
 Mosaic Genes in Penicillin Resistant Strains
 (codon 85 - 750)

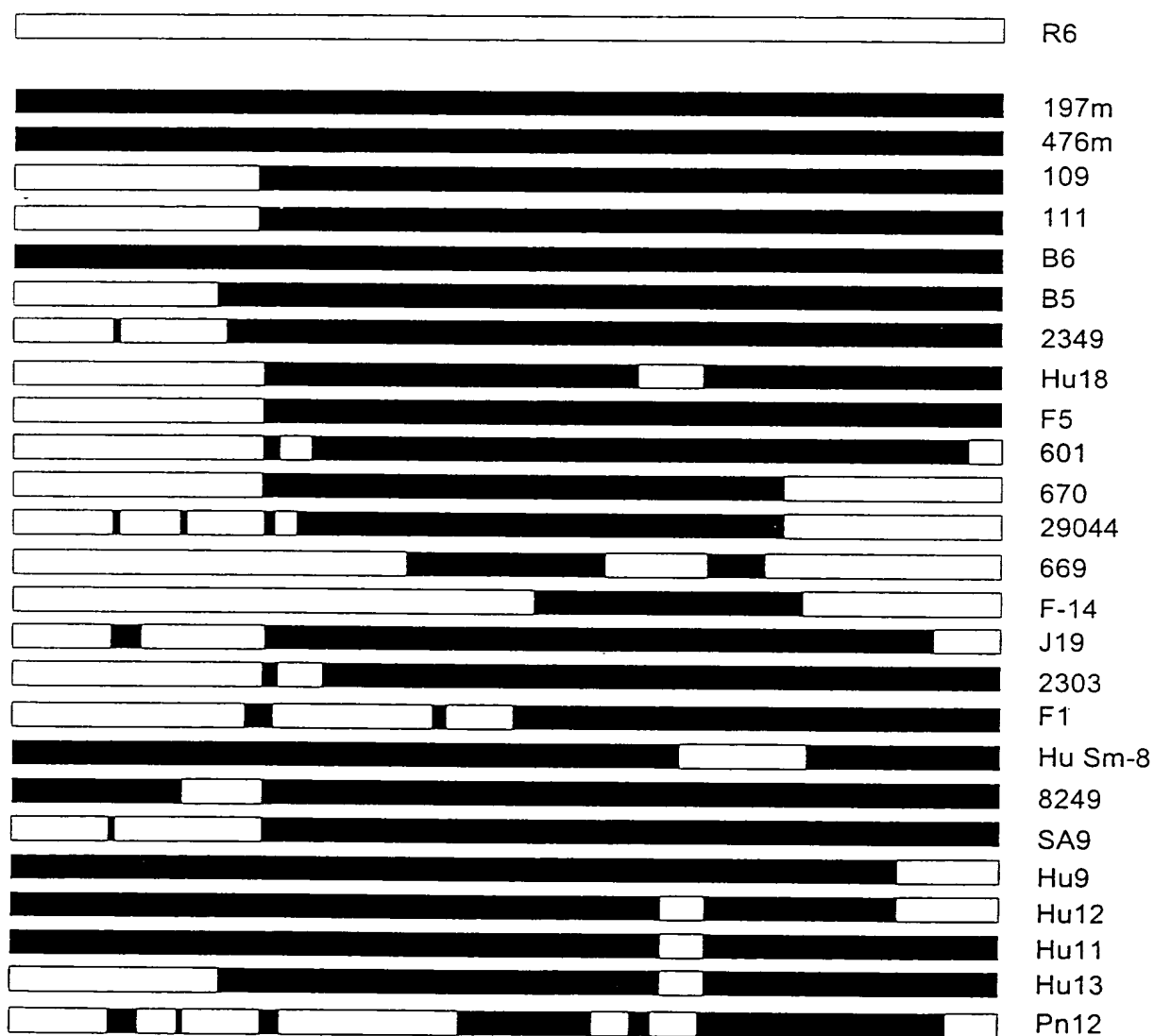


FIG. 1

Grid example of an oligonucleotide array

1	2	3	4
5	6	7	8
I	II	III	IV

A (R6 = sensitive)

+	+	+	+
+	+	+	+
-	-	-	-

B (2349 - resistant, globally occurring clone)

+	-	-	-
-	-	-	-
+	+	+	+

C (J19 - resistant)

+	-	-	-
-	-	-	-
+	+	-	+

D (Pn 12 - resistant, from Papua and unusual)

+	-	+	+
-	-	-	-
-	-	-	-

FIG. 2

PCR



FIG. 3

R6-U5OR-197MIT-476MIT-
B5MIT-2349-109-111NO-
U18-F5-601-670-29044-
M3-10712 (8-96)

Vertical strain-designating numbers: first three numerals = codon last numeral: 1, 2 or 3 position within the codon

R6

FIG. 4C

R6	AATCTCAAGCAAGTTTCCTTTGGAGCAAAAGGAAATGGGATTACCTATGCCAATATGATG
U5or	-----G-----T-T-A-----C-t-----
197MIT	-----A-G-----TA-T-----C-A-----
476MIT	G---G-A-G-A-T-----G-----C-----
B5MIT	-----
2349	-----TT-G-----C-----
109	-----TT-G-----C-----
111NO	-----
U18	-----C-----
F5	-----C-----
601	-----C-----
670	-----C-----
29044	-----TT-G-----C-----A-----
R6	AATCTCAAGCAAGTTTCCTTTGGAGCAAAAGGAAATGGGATTACCTATGCCAATATGATG
U11	-----A-CT-----T-----A-----
U13	-----
U12	-----G-CC-G-----T-----A-----
U9	-----G-CC-----T-----A-----
F1	-----TT-G-----C-----
669	-----
F2	-----
J19	-----TT-G-----
122	-----TT-G-----C-----
2302	-----T-----C-----
2303	-----
8249	-----G-CT-----C-T-----A-----A-----
Sa9	-----TT-G-----C-----
Pn12	-----TT-G-----C-----A-----
U8mit	-----G-CC-G-----T-----A-----C-----
B6mit	-----G-CC-----T-----A-----
10712	-----G-CC-----T-----A-----
M3	-----G-CC-----T-----A-----

FIG. 4E

[illegible]

R6	GAAAATGAAGATGGAAGCAAGAGCTTGCTGGGAACCTCTGGAATGGAGAGTTTCCTTGAAC
U50R	- - - - - TTCA - - - - C-TA-T- - - A- - - T--T-A-
197MIT	- - - - - TTCA - - - - C-TA-T- - - A- - - T--T-A-
476MIT	- - - G- - - -C- -- AC-T- -- A-T-G-A- - - GT- - - -T-A-T
B5MIT	- - - B5MIT - - - - - - - - - - - - - - - -T-A-T
2349	- - - - -C- - - - -A- - - - - - - - - - - - - - -T-A-
109	- - -C- - - - -T- - - - - - - - - - - - - - - - - - - -
111NO	- - -C- - - - -T- - - - - - - - - - - - - - - - - - - -
U18	- -
F5	- - -C- -
601	- - -C- - - - -G- - - - - - - - - - - - - - - - - - - -
670	- - -C- -
29044	- - -C- - - - -T- - - - - - - - - - - - - - - - - - - -
R6	GAAAATGAAGATGGAAGCAAGAGCTTGCTGGGAACCTCTGGAATGGAGAGTTTCCTTGAAC
U11	- - -G- - -T-T- - -T- - -T-A-G-T-T- -TT- - - -T-A-T
U13	- - - - - - - - -T- - - - - - - - - - - - - - - -T-A-T
U12	- - -G- - -T- - -T- - -T-A-G-T-T- -TT- - - -T-A-T
U9	- - -G- - -C-T- - -T- - -T-A-G-T-T- -TT- - - -G-A-T
F1	- - -C- -
669	- -
F2	- - - - -T- - -T- - - - - - - - - - - - - - - -T- -
J19	- - -C- -
122	- - -C- -
2302	- - -C- - - - -G- - - - - - - - - - - - - - - - - - - -
2303	- - -C- - - - -G- - - - - - - - - - - - - - - - - - - -
8249	- - -T- - -T- - -T- - -G- - - - - - - - - - - - - -T
Sa9	- - -C- -
Pn12	- - -C- - - - -T- - - - - - - - - - - - - - - - - - - -
U8mit	- - -G- - -C-T- - -T- -AT-A- - -T- -TC- - - -G-A-T
B6mit	- - -G- - -C-T- - -T- -T-A- - -T- -TC- - - -T-A-T
10712	- - -G-C-C-C-T- - -T- -AT-A- - -TC-A- - - -G-A-T
M3	- - -G- - -T-T- - -T- -T-A-G-T- - -TT- - - -T-A-T

62

५७

FIG. 41

FIG. 4J

R6	AAAGGAAAGTACATGACAGCGACTTTGGTCAGTGTCTAAACAGGGGAAATCTGTGGCAACA
U5OR	-----T-----T-----C-----C-----A--G--C--T-----C--T--C--
197MIT	-----T-----T-----C-----C-----A--G--C--T-----C--T--C--
476MIT	-----T-----T-----C-----C-----A--G--C--T-----C--T--C--
B5MIT	-----T-----T-----C-----C-----A--G--C--T-----C--T--T--C--
2349	-----T-----T-----C-----C-----A--G--C--T-----C--C--T--C--
109	-----T-----T-----C-----C-----A--G--C--T-----C--T--C--
111NO	-----T-----T-----C-----C-----A--G--C--T-----T--T--C--
U18	-----T-----T-----C-----A-----A--G--C--T-----A--C--T--C--
F5	-----T-----C-----C-----C-----A--G--C--T-----C--T--T--C--
601	-----T-----C-----C-----C-----A--G--C--T-----C--C--T--C--
670	-----T-----T-----C-----C-----A--G--C--T-----C--C--T--C--
29044	-----T-----C-----C-----C-----A--G--C--T-----C--T--T--C--
R6	AAAGGAAAGTACATGACAGCGACTTTGGTCAGTGTCTAAACAGGGGAAATCTGTGGCAACA
U11	-----T-----T-----C-----C-----A--G-----T-----C--C--T--T--
U13	-----T-----T-----C-----C-----A--G-----T-----C--C--T--T--
U12	-----T-----T-----C-----C-----A--G-----T-----C--C--T--T--
U9	-----T-----T-----C-----A-----A--G--C--T-----A--C--T--C--
F1	-----G-----
669	-----CC-----G-----G-----
F2	-----G-----T-----
J19	-----T-----T-----C-----C-----A--G--C--T-----C--T--T--C--
122	-----T-----T-----C-----C-----A--G--C--T-----C--T--T--C--
2302	-----G-----T-----G-----
2303	-----T-----T-----G-----
8249	-----C-----T-----A--C-----T-----T-----
Sa9	-----C-----T-----G--T--C-----T-----T-----G-----
Pn12	-----
U8mit	-----T-----T-----C-----A-----A--G--C--T-----C--T--T--T--
B6mit	-----T-----T-----C-----C-----A--G--C--T-----C--C--T--C--
10712	-----T-----T-----C-----C-----A--G--C--T-----C--C--T--C--
M3	-----T-----T-----C-----C-----A--G--C--T-----C--C--T--C--

[illegible]

R6	GCTGCTGCTATTGATAATAATACCTTCCAGGAGGAGAAAGTCCTTTAATAGTAGTGAGTTA
U5or	--T--T--C--A-T-----TA-C-----C-----A-T
197MIT	--T--T--C--A-T-----TA-C-----C-----A-T
476MIT	--T--T--C--A-T-----TA-C-----C-----A-T
B5MIT	--T--T--C--A-T-----TA-C-----C-----A-C
2349	--T--T--C--A-T-----TA-C-----C-----A-C
109	--T--T--C--A-T-----TA-C-----C-----A-C
111NO	--A--T-----C--A-T-----TA-C-----C-----A-C
U18	-----C---T-C---T-----TA-C-----C---C-A-
F5	-----C---A-T-----TA-C-----C-----A-T
601	--T--T--C--A-T-----TA-C-----C-----A-C
670	--T--T--C--A-T-----TA-C-----C-----A-C
29044	--T--T-----C--A-T-----TA-C-----C-----A-C
R6	GCTGCTGCTATTGATAATAATACCTTCCAGGAGGAGAAAGTCCTTTAATAGTAGTGAGTTA
U11	--T--T--C---C---T-----TA-C-----C---C-C-A-C-
U13	--T--T--C---C---T-----TA-C-----C---C-C-A-C-
U12	--T--T--C---C---T-----TA-C-----C---C-C-A-C-
U9	--T--T--C---C---T-----TA-C-----C---C-C-A-C-
F1	-----C-----C-----C-----C-----C-----
669	-----C---A-T-----TA-C-----C-----A-
F2	-----C-----C-----C-----C-----C-----
J19	--A-AT-----T-C---T-----TA-C-----C-C-A-
122	--A-AT-----T-C---T-----TA-C-----C-C-A-
2302	--T--T-----C---A-T-----TA-C-----C-----A-
2303	--T--T-----G---C---A-T-----TA-C-----C-----A-
8249	--T--T-----G-C---C---A-T-----TAT-C-----A-T
Sa9	--T--T-----C-C---C---A-T-----TAT-C-----A-T
Pn12	-----C-----G-----C-----C-----C-----
U8mit	-----C-T-C-----TA-C-----C---A-A-T
B6mit	--T--T-----C---A-T-----TA-C-----C---A-T
10712	--T--T-----C---T-----TA-C-----C---A-
M3	--T--T-----C---A-T-----TA-C-----C---A-

FIG. 40

FIG. 4P

[illegible]

FIG. 4V

FIG. 4W

R6	GCCCCTCAAGTCTGGTACGGCTCAGATTGCTGCACGAGAAAAATGGTGTTATCTAGTCGGG
U5or	--AG-T-A-C-----A-C---T-----A-A--CT-G--T--T-
197MIT	--AG-T-A-C-----A-C---T-----A-A--CT-G--T--T-
476MIT	--AG-T-A-C-----A-C---T-----A-A--CT-G--T--T-
B5MIT	--AG-T-A-C-----A-C---T-----A-A--CT-G--T--T-
2349	--AG-T-A-C-----A-C---T-----A-A--CT-G--T--T-
109	--AG-T-A-C-----A-C---T-----A-A--CT-G--T--T-
111NO	--AG-T-A-C-----A-C---T-----A-A--CT-G--T--T-
U18	-----A-CG-A-C-----A-A--CT-G--T--T-
F5	--AG-T-A-C-----A-C---T-----A-A--CT-G--T--T-
601	--AG-T-A-C-----A-C---T-----A-A--CT-G--T--T-
670	--AG-T-A-C-----A-C---T-----A-A--CT-G--T--T-
29044	--AG-T-A-C-----A-C---T-----A-A--CT-G--T--T-
R6	GCCCCTCAAGTCTGGTACGGCTCAGATTGCTGCACGAGAAAAATGGTGTTATCTAGTCGGG
U11	-----A-C-A-C-----A-C---CT-G--T--T-
U13	-----A-C-A-C-----A-C---CT-G--T--T-
U12	-----A-C-A-C-----A-A--CT-G--T--T-
U9	--AG-T-A-C-----A-C---T-----A-C-C-G-T--T-
F1	-----A-CG-A-C-----A-C---CT-G--T--T-
669	-----G-A-A-----A-C---CT--T--T-
F2	---T-A-A-G-T-GG-----G-T---C-TACA-T
J19	-----A-AG-A-C-----T-----A-A--CT-G--T--T-
122	-----A-AG-A-C-----T-----A-A--CT-G--T--T-
2302	-----A-CG-A-C-----A-C---CT-G--T--C-
2303	-----A-CG-A-C-----A-C---CT-G--T--T-
8249	--AG-T-A-----T-G-A-----A-T-A-----G-A-CT--T--T-
Sa9	--AG-T-A-----T-G-A-----A-T-A-----G-A-CT--T--T-
Pn12	-----C-----CG-----C-T-----A-----CT--T--T-
U8mit	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----
B6mit	--AG-T-A-C-----A-C---T-----A-C--CT-G--T--T-
10712	-----A-C-A-C-----A-----A-C--CT-G--T--T-
M3	--AG-T-A-C-----A-C---T-----A-----A--CT-G--T--T-

[illegible]

FIG. 4Z

96

FIG. 4BB

FIG. 4DD

R6	CAAGTCCTTATCTGATAAAGCAGAGGAGGTCCAGATATGTATGGTTGGACAAAG
U50R	TTCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
197MIT	TCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
476MIT	TCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
B5MIT	TCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
2349	TCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
109	TCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
111NO	TTTTAAAA
U18	TCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
F5	TCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
601	TCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
670	TTTTAAAA
29044	-----
R6	CAAGTCCTTATCTGATAAAGCAGAGGAGGTCCAGATATGTATGGTTGGACAAAG
U11	TCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
U13	TCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
U12	GGA
U9	GGA
F1	TCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
669	GCGAAAGCCCC
F2	GGA
J19	TA CCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
12	TA CCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
2302	TCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
2303	TCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
8249	TCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
Sa9	TCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
Pn12	TCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
U8mit	TCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
B6mit	TCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
10712	TCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC
M3	TCCCTGGGGGTAAACAAACCCCCCCC

FIG. 4GG

	77777777777777777777
	4444444444444444555
	555666777888999000
	123123123123123123
R6	ACATTAACTTTAGGAGAC
U5or	-A-----
197MIT	-A-----
476MIT	-A-----
B5MIT	-----
2349	-A-----
109	-A-----
111NO	-----
U18	-A-----
F5	-A-----
601	-----
670	-----
29044	-----
R6	ACATTAACTTTAGGAGAC
U11	-A-----C-----
U13	-A-----
U12	-----C-----
U9	TACA-----
F1	-A-----
669	-----
F2	-----
J19	-----G-----
122	-----
2302	-A-----
2303	-A-----
8249	-A-----
Sa9	-A-----
Pn12	-----
U8mit	-A-----
B6mit	-A-----
10712	CA-----
M3	-A-----T

FIG. 4HH